

Query Match 84.8%; Score 1169; DB 10; Length 225;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 1e-95;
Matches 225; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 44 GOSIKPVYGRNPSFKLYPCFTESWGLDPLKENDSEMDLVYGLNDAFHGWPSPSSSSD 103
DB 1 GOSIKPVYGRNPSFKLYPCFTESWGLDPLKENDSEMDLVYGLNDAFHGWPSPSSSSD 60
QY 104 EDRSSPSPVKIETPESFAAVDSVPVKKEKTSVSAATAAKGKHRYGRVQRPWGKFAAEI 163
DB 61 EDRSSPSPVKIETPESFAAVDSVPVKKEKTSVSAATAAKGKHRYGRVQRPWGKFAAEI 120
QY 164 RPAKNGARVWLGTFETAEDAAALAYDRAAFMRGSRALLNFPRLVNSGEPDPVRIKRS 223
DB 121 RPAKNGARVWLGTFETAEDAAALAYDRAAFMRGSRALLNFPRLVNSGEPDPVRIKRS 180
QY 224 SFSSSNGCAPKRRRTVAAGGMDKGLTVKCEVVEVARGDRLLV 268
DB 181 SFSSSNGCAPKRRRTVAAGGMDKGLTVKCEVVEVARGDRLLV 225

RESULT 2
Q9M4Y9 PRELIMINARY; PRT; 282 AA.
AC Q9M4Y9;
DT 01-OCT-2000 (TrEMBLrel. 15, Created)
DT 01-OCT-2000 (TrEMBLrel. 15, Last sequence update)
DT 01-JUN-2001 (TrEMBLrel. 17, Last annotation update)
DE AP2-RELATED TRANSCRIPTION FACTOR.
GN CDBP.
OS Mesembryanthemum crystallinum (Common ice plant).
OC Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
OC Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
OC Caryophyllidae; Caryophyllales; Aizoaceae; Mesembryanthemum.
OX NCBI_TaxID=3544;
RN [1]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RC TISSUE=LEAF;
RA Scharte J., Baur B.;
RT "A stress induced transcription factor of the AP2 gene family from the
RT inducible CAM-plant Mesembryanthemum crystallinum L.";
RL Submitted (MAR-2000) to the EMBL/GenBank/DBJ databases.
DR EMBL; AF245119; AAF63205.1; -
DR InterPro; IPR001471; AP2-domain.
DR Pfam; PF00847; AP2-domain; 1.
DR PRINTS; PR00367; ETHRSPELEMT.
DR ProDom; PD001423; AP2-domain; 1.
DR SMART; SM00380; AP2; 1.
DR SEQUENCE 282 AA; 30011 MW; 617C32009C535B29 CRC64;

Query Match 53.0%; Score 731; DB 10; Length 282;
Best Local Similarity 55.4%; Pred. No. 8e-57;
Matches 164; Conservative 36; Mismatches 52; Indels 44; Gaps 11;

QY 1 MGMTADSDYAFLESIRRHLLGESEPILESSTASSVTQSCVTGQSIKPVYGRNPSFKL 60
DB 1 MSLIANFESDFAVLESIRRHLLDWDW---RACAPAIT---TGSG---PVYHRNSFSSL 51
QY 61 YPCFTESWGLDPLKENDSEMDLVYGLNDAFHGWPSPSSSSDEDKRSFP-SVK---IET 116
DB 52 YPCLTDNMGELPLKEDSDMDLVGLRDVHTGWSQSGESGSGSPAPVTVKPEPVD 111
QY 117 PSFAVDSVPVK-KKETSVPVSAATAAKGKHRYGRVQRPWGKFAAEIRDPKNGARVWL 175
DB 112 PVSSPA---PVRVAGGEAPVAAA---PARGKHRYGRVRRRPPWGKFAAEIRDPKNGARVWL 165
QY 176 GTFETAEDAAALAYDRAAFMRGSRALLNFPRLVNSGEPDPVRIKRS-----FSSSNE 230
DB 166 GTFETAEDAAALAYDRAAFMRGSRALLNFPRLVNSGEPDPVRIKRS-----FSSSNE 225
QY 231 NGAPKRRR--TVAAAG-----GMDKGLTVKCEVVEVARGDRLLV 267
DB 231 NGAPKRRR--TVAAAG-----GMDKGLTVKCEVVEVARGDRLLV 267

Db 226 SASPKRRKKEVVVGVPAQARPGIQQVGNVVEGMQVGVCCQVGVGTMPGLDQLLV 281
RESULT 3
Q9LW50 PRELIMINARY; PRT; 237 AA.
AC Q9LW50;
DT 01-OCT-2000 (TrEMBLrel. 15, Created)
DT 01-OCT-2000 (TrEMBLrel. 15, Last sequence update)
DT 01-JUN-2001 (TrEMBLrel. 17, Last annotation update)
DE ETHYLENE-RESPONSIVE ELEMENT BINDING FACTOR.
GN NSERF2.
OS Nicotiana sylvestris (Wood tobacco).
OC Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
OC Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
OC Asteridae; euasterids I; Solanales; Solanaceae; Nicotiana.
OX NCBI_TaxID=4096;
RN [1]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RC PubMed=10945353;
RA Kitajima S., Kovama T., Ohme-Takagi M., Shinshi H., Sato F.;
RT "Characterization of gene expression of NSERFs, transcription factors
RT of basic PR genes from Nicotiana sylvestris.";
RL Plant Cell Physiol. 41:817-824(2000).
DR EMBL; AB016264; BAA97122.1; -
DR InterPro; IPR001471; AP2-domain.
DR Pfam; PF00847; AP2-domain; 1.
DR PRINTS; PR00367; ETHRSPELEMT.
DR ProDom; PD001423; AP2-domain; 1.
DR SMART; SM00380; AP2; 1.
DR SEQUENCE 237 AA; 26243 MW; 01BC3EB51E46298 CRC64;

Query Match 42.7%; Score 589; DB 10; Length 237;
Best Local Similarity 51.5%; Pred. No. 2.3e-44;
Matches 120; Conservative 31; Mismatches 62; Indels 20; Gaps 4;

QY 49 PVYGRNPSFKLYPCFTESWGLDPLKENDSEMDLVYGLNDAFHGWPSPSSSSDEDSS 108
DB 10 PVYHRTSFSSLMPCLTDTWGLDPLKVDSEMDVYGLNDAFHGWPSPSSSSDEDSS 69
QY 109 FPSVKIETPESFAAVDSVPVKKEKTSVSAATAAKGKHRYGRVQRPWGKFAAEIRDPK 168
DB 70 -PREEIE-----PAPSVPVSPVAPPAETTTAAQAVVPKGRHYGRVQRPWGKFAAEIRDPK 123
QY 169 NGARVWLGTFETAEDAAALAYDRAAFMRGSRALLNFPRLVNSGEPDPVRIKRS----- 222
DB 124 NGARVWLGTYETAEEAALAYDRAAFMRGSKALLNFPHRIGLNEPEFVRLTVRRSRPEA 183
QY 223 -SFSSSNGCAPKRRRTVAAG-----GMDKGLTVKCEVVEVARGDRLLV 267
DB 184 SSSISPASENSLPKRRRRKAAVAAKQAELEVSRSNVMQVCGMEQFPVGEQLLV 236

RESULT 4
Q40479 PRELIMINARY; PRT; 233 AA.
AC Q40479;
DT 01-NOV-1996 (TrEMBLrel. 01, Created)
DT 01-NOV-1996 (TrEMBLrel. 01, Last sequence update)
DT 01-JUN-2001 (TrEMBLrel. 17, Last annotation update)
DE EREBP-2.
OS Nicotiana tabacum (Common tobacco).
OC Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
OC Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
OC Asteridae; euasterids I; Solanales; Solanaceae; Nicotiana.
OX NCBI_TaxID=4097;
RN [1]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RC STRAIN=BY4; TISSUE=LEAF;
RX MEDLINE=95276459; PubMed=7756828;
RA Ohme-Takagi M., Shinshi H.;
RT "Ethylene-inducible DNA binding proteins that interact with an


```
QY 121 AAVDSVPVKKEKTSVPVSAAYTAAGK---HYRGVRQRPWGKFAAEIRDPKANGARVWLGT 177
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 70 SMAESQEDSVWGTPPEAAAGGCGSKDWRNRYKGVRRRPWGKFAAEIRDPKPKKGSRIWLGT 129
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 178 FETAEDAAALAYDRAAFMRGRSALLNFPPLRVNSGCEPDVRIKSKR-----SSFS 226
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 130 YETPEDAALAYDAAAFNMRGAKARLNFPHLIGSNISGVRVNRKRFRFAEPSTTSSSSS 189
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 227 SSNEN-GAPKKRR 238
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 190 SSENSGGRKKRR 202
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
```

RESULT 15

```
Q9FR33 PRELIMINARY; PRT; 214 AA.
Q9FR33;
DT 01-MAR-2001 (TrEMBLrel. 16, Created)
DT 01-MAR-2001 (TrEMBLrel. 16, Last sequence update)
DT 01-JUN-2001 (TrEMBLrel. 17, Last annotation update)
DE RIPENING REGULATED PROTEIN DDTFR10/A (FRAGMENT).
GN DDTFR10/A.
OS Lycopersicon esculentum (Tomato).
OC Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
OC Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
OC Asteridae; euasterids I; Solanales; Solanaceae; Solanum.
OX NCBI_TaxID=4081;
RN [1]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RA Giovannoni J.J., Yen H., Shelton B., Miller S., Verbalov J.,
RA Kannan P.;
RT "Genetic mapping of ripening and ethylene related loci in tomato.";
RL Theor. Appl. Genet. 98:1005-1013(1999).
DR EMBL; AF204784; AAG49031.1; -.
DR InterPro; IPR001471; AP2-domain.
DR Pfam; PF00847; AP2-domain; 1.
DR PRINTS; PR00367; ETHRSPELEMT.
DR ProDom; PD001423; AP2-domain; 1.
DR SMART; SM00380; AP2; 1.
FT NON_TER 1
SQ SEQUENCE 214 AA; 24102 MW; 45D8631266C1E085 CRC64;
```

```
Query Match 23.1%; Score 318.5; DB 10; Length 214;
Best Local Similarity 46.2%; Pred. No. 1.8e-20;
Matches 73; Conservative 24; Mismatches 48; Indels 13; Gaps 4;
QY 108 SPFSV-KIETPESFAAVDSVPVKKE-KTSPVSA-----AVTAAKGKHYRGVRQRPWGK 158
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 11 SIPSVKTEPKGEVKTGEKTEEPKTEGKTEYSYKKEKVENSEKKRYRGVRQRPWGK 70
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 159 FAAEIRDPKANGARVWLGTFTETAEDAAALAYDRAAFMRGRSALLNFPPLRVNSGCEPDVRI 218
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 71 FAAEIRDPTRKGRVWLGTFTETAEDAAALAYDRAAFMRGRSALLNFPPLRVNSGCEPDVRI 130
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 219 KSRSSFSSENSNGAPKKRTVAAGGMDKGLTVKCEV 256
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 131 EKNVNLNSNTSCGKRVRRME-----NDDGIVMKKEV 164
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
```

Search completed: March 20, 2002, 16:39:27
Job time: 196 sec